

LENGTH: 2335;  
 TYPE: DNA  
 ORGANISM: Homo sapiens  
 FEATURE:  
 NAME/KEY: gene  
 LOCATION: (1) .. (2335)  
 NAME/KEY: CDS  
 LOCATION: (83) .. (2170)  
 US-09-492-361-1

Query Match 13.9%; Score 518.4; DB 3; Length 2335;  
 Best Local Similarity 60.1%; Pred. No. 1.6e-140;  
 Matches 1103; Conservative 0; Mismatches 566; Indels 165; Gaps 8;

201 TACCGGCGGCTGAGAACTACCTGTAACAGTCTGTGAGAGACCCCGGCTGGGGTTC 260  
 320 TACCGCGCTGAGAACTGGGTCTACAGTCTGGAGGCGCCCGGCTGGGGTTC 379  
 261 ATTACCAAGCTTCTGTTTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 320  
 380 GTCTACCAAGCTTCTGTTTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 439  
 321 ACATCCCTGAGACACAAATTTGGCTCAAGTCCCTGTAATCTGAGATTGTGATG 380  
 440 ACTATCCAGAGACACAGAACTTGCACAGAGTCTCTCACTTGAATTCGATG 499  
 381 ATTGCTCTTGTGTTGAGTTCAATCTGATCTGATCTGCTGGGTTGCTGTTGCA 440  
 500 ATGCTGTTTGGGCTTGGAGTACATGCTCCGGGCTGCTGCTCCGAGTCTGCTCCG 559  
 441 TATAGAGATGGCAGAGAACTGAGGTTGCTGCAAGCCCTTCTGTATATATACC 500  
 560 TACCGAGATGGCAGAGGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 619  
 501 ATTGTTTATGCTTCAATAGCAAGTGTGTTGCAAAATCAGGGTAATTTTGGC 560  
 620 ATGCTGTTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 679  
 561 ACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 679  
 680 ACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 739  
 621 AGGAGAGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 739  
 740 CCGGCGGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 799  
 681 ACAGCTTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 740  
 800 ACCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 859  
 741 GAAAGAGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 859  
 860 GAGAGAGATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 919  
 801 ACATGACAACTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 919  
 920 ACATGACAACTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 979  
 861 TCTGAGGCTTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 979  
 980 GCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 920  
 921 TCAAGTTTGTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1039  
 1040 TCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 980  
 981 AATCCAGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1099  
 1100 ATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1040  
 1041 GTTTCATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1159  
 1160 GCTTACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1091  
 1160 GCTTACCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1219

1092 CTTACCAAGAAAGAAAGGAGAAAGTACAGATGCTGAAAGTAA 1136  
 1220 GCCCTCTGTTTAAAGACATGTCACAGGCTCCGCAATAGGGGCTTACGGCCCTGAGAGT 1279  
 1137 ----- 1136  
 1280 CCGCGGGCGCGGTACCCGACGAGACACCTTCCCTTACCCGCGCTTCCACCTGCCAC 1339  
 1137 ----- AGTTTAAAGAGCGA 1151  
 1340 CCGCGGGGACAGACCTCTCTTCTGCTGCGGAAAGAGCGAGTGGGATCAAGAGCCCG 1399  
 1152 GTGCGATGCTAGGCTCCGAGGGGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1205  
 1400 ATCCGATGAG 1459  
 1206 GGTGACAG 1262  
 1460 ACATGCTCCACCTCCCGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1519  
 1263 CAGAGAGCTGAG 1322  
 1520 CAAAGAGCTGAG 1573  
 1323 TCTCAGCCCAAG 1573  
 1574 ----- AATCCCGACCTCTCTGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAGAG 1621  
 1382 GAAAG 1621  
 1622 GAG 1681  
 1443 ATTGAGCTGACAG 1502  
 1682 ATCCGCTCAG 1741  
 1503 GCTCAGATGAG 1562  
 1742 CAG 1801  
 1563 TGTAG 1861  
 1802 GAG 1619  
 1620 ACATGAG 1679  
 1862 AG 1921  
 1680 AGTATGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1739  
 1922 AGCAG 1981  
 1740 GACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 1799  
 1982 GACTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTG 2035  
 1800 TTGCTTATCCAG 1859  
 2036 CTGCGCGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCTGCT 2095  
 1860 GTGAG 1893  
 2096 GTGAG 2129

## RESULT 9

US-09-495-050A-303

Sequence 303, Application US/09495050A

Patent No. 6492505

GENERAL INFORMATION:

APPLICANT: Roopa, Reddy

Guegler, Karl, J.

APPLICANT: Al-Young, Janice  
TITLE OF INVENTION: COMPOSITION FOR DETECTION OF GENES ENCODING MEMBRANE-ASSOCIATED F  
FILE REFERENCE: PA-0043 US  
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/495,050A  
CURRENT FILING DATE: 2000-01-31  
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/118,318  
PRIOR FILING DATE: February 1, 1999  
NUMBER OF SEQ ID NOS: 305  
SOFTWARE: PERL Program  
SEQ ID NO 303  
LENGTH: 582  
TYPE: DNA  
ORGANISM: Homo sapiens  
FEATURE:  
NAME/KEY: misc feature  
OTHER INFORMATION: Incyte ID No. 6492505 4970006CT1  
US-09-495-050A-303

Query Match 13.8%; Score 511.4; DB 3; Length 582;  
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 7,2e-139;  
Matches 523; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 1; Gaps 1;

1605 GGAAGAGGCAATCATCATGATAGAGAGCGGAGAAATTAACAGCAGACATGAG 1664  
1 GGAAGAGGCAATCATCATGATAGAGAGCGGAGAAATTAACAGCAGACATGAG 60  
1665 ACCAGACGATCTCAGTATGCTCGGTGCTGATGAGTGAAGAAACAGGTACAGTCC 1724  
61 ACCAGACGATCTCAGTATGCTCGGTGCTGATGAGTGAAGAAACAGGTACAGTCC 120  
1725 ATGAGATCCAGTCTGAGTCTGCTTACATCATCTATCAACAGAGTCTTGGAAAGGCTCT 1784  
121 ATGAGATCCAGTCTGAGTCTGCTTACATCATCTATCAACAGAGTCTTGGAAAGGCTCT 180  
1785 GCTCAGCGCTGCTTGGCTTATCCAGATCCACCTTTGAAATGTAAGACAGATCT 1844  
181 GCTCAGCGCTGCTTGGCTTATCCAGATCCACCTTTGAAATGTAAGACAGATCT 240  
1845 GACTATCAAGCCCTGTGATAGCAAGATCTTTCGGGTTCCGCAAAACAGTGGCTGC 1904  
241 GACTATCAAGCCCTGTGATAGCAAGATCTTTCGGGTTCCGCAAAACAGTGGCTGC 300  
1905 TTATCCAGTCACTAGTATGCTGCAACATCTCGAGAGGCTGCAATTTCTGACCGCAAT 1964  
301 TTATCCAGTCACTAGTATGCTGCAACATCTCGAGAGGCTGCAATTTCTGACCGCAAT 360  
1965 GAGTTCACTGCGCAGATCTTTCAGCGCTTACGCTTACATGACAGTCAAGCAACAG 2024  
361 GAGTTCACTGCGCAGATCTTTCAGCGCTTACGCTTACATGACAGTCAAGCAACAG 420  
2025 GTGCCAATTAATGCAAGGATGCTCAGCAGTGGAGCCACCAACAGCAATGGCAACCA 2084  
421 GTGCCAATTAATGCAAGGATGCTCAGCAGTGGAGCCACCAACAGCAATGGCAACCA 480  
2085 ATAAATACGCGACCAAGCGACAGCCCAACCAACTTTACAGATC 2129  
481 ATAAATACGCGACCAAGCGACAGCCCAACCAACTTTACAGATC 524

RESULT 10  
US-09-177-650-88  
Sequence 88, Application US/09177650  
Patent No. 6413719  
GENERAL INFORMATION:  
APPLICANT: Leppert, Mark F.  
APPLICANT: Singh, Nanda  
APPLICANT: Chatter, Carole  
TITLE OF INVENTION: KMO2 AND KMO3 - POTASSIUM CHANNEL GENES WHICH ARE  
TITLE OF INVENTION: MUTATED IN BENIGN FAMILIAL NEONATAL CONVULSIONS (BFNC)  
FILE REFERENCE: 2323-134  
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/177,650  
CURRENT FILING DATE: 1998-10-23

EARLIER APPLICATION NUMBER: 60/063,147  
EARLIER FILING DATE: 1997-10-24  
NUMBER OF SEQ ID NOS: 129  
SOFTWARE: Patent Ver. 2.0  
SEQ ID NO 88  
LENGTH: 2273  
TYPE: DNA  
ORGANISM: Mus musculus  
FEATURE:  
NAME/KEY: CDS  
LOCATION: (1) .. (2271)  
US-09-177-650-88

Query Match 13.8%; Score 511.4; DB 3; Length 2273;  
Best Local Similarity 59.4%; Pred. No. 1.7e-138;  
Matches 978; Conservative 2; Mismatches 95; Indels 72; Gaps 4;

189 CGCAAGCTCAAGTACCGGCGGTGCAAGACTACCTGATCAACGCTGAGAGAGACCCGCG 248  
208 CGCAAGCTTCTACCGGCGGTGCAAGACTACCTGATCAACGCTGAGAGAGACCCGCG 267  
249 GCGTGGGCGTTCATCAACAGCTTGTGTTTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 308  
268 GCGTGGGCGTTCATCAACAGCTTGTGTTTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 327  
309 TCAATGTTTTCATCAACAGCTTGTGTTTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 368  
328 TCTGTTTTCATCAACAGCTTGTGTTTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 387  
369 GAGTTCGATGATGTCGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 428  
388 GAAATCGATGATGTCGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 447  
429 TCTGTTTTCATCAACAGCTTGTGTTTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 488  
448 TCTGTTTTCATCAACAGCTTGTGTTTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 507  
489 GTTATGATGATGTCGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 548  
508 GTTATGATGATGTCGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 567  
549 AATATTTTTCATCAACAGCTTGTGTTTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 608  
568 AATATTTTTCATCAACAGCTTGTGTTTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 627  
609 CGCATGACCGAAGGAGGAGCTTGAATTTACGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 668  
628 CGTATGACCGAAGGAGGAGCTTGAATTTACGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 687  
669 AAGGATTAATCAAGCTTGTGTTTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 728  
688 AAGGATTAATCAAGCTTGTGTTTCTCTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 747  
729 GTTATGATGATGTCGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 788  
748 GTTATGATGATGTCGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTG 807  
789 TGGGCAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 848  
808 TGGGCAATTAATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 867  
849 GGAAGATGCTTCTGAGGCTTTCAGTCTGTTGATTTCTTCTGTTGATTTCTGTTG 908  
868 GGAAGATGCTTCTGAGGCTTTCAGTCTGTTGATTTCTTCTGTTGATTTCTGTTG 927  
909 GGAATTTCTGAGGCTTTCAGTCTGTTGATTTCTTCTGTTGATTTCTGTTGATTT 968  
928 GGAATTTCTGAGGCTTTCAGTCTGTTGATTTCTTCTGTTGATTTCTGTTGATTT 987  
969 GAGAAAGAGAGAACCGAGTCCCACTTATGAGTGTGTTGGGCTGATGAGTCTGAGCT 1028  
988 GAGAAAGAGAGAACCGAGTCCCACTTATGAGTGTGTTGGGCTGATGAGTCTGAGCT 1047